

Figure 1

Streptococcus mutans
***ComCDE* Operon**

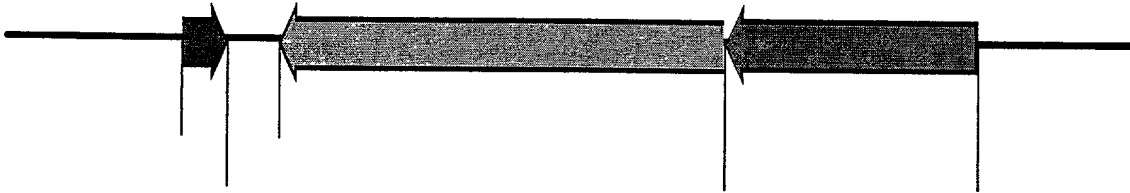


Figure 2

A.

[ATGAAAAAACACTATCATTAAAAATGACTTTAAAGAAATTAAGACTGATGAATTAG
AGATTATCATTTGGCGGA (AGCGGAAGCCTATCAACATTTTTCCGGCTGTTTAAACAGAAG
TTTTACACAAGCTTTGGGAAAA)] TAA

B.

AGCGGAAGCCTATCAACATTTTTCCGGCTGTTTAAACAGAAGTTTTACACAAGCTTTGGG
AAAA

C.

[ATGAATGAAGCCTTAATGATACTTTCAAATGGTTTATTAACTTATCTAACCGTTCTAT
TTCTCTTGTTTCTATTTTCTAAGGTAAGTAATGTCACTTTATCGAAAAAGGAATTAAC
CTTTTTTCGATAAGCAATTTTCTGATAATGATTGCTGTTACGATGGTGAACGTAAACCT
GTTTTATCCTGCAGAGCCTCTTTATTTTATAGCTTTATCAATTTATCTTAATAGACAGA
ATAGTCTTTCTCTAAATATATTTTATGGTCTGCTGCCTGTTGCCAGTTCTGACTTGTTT
AGGCGGGCAATCATATTCTTTATCTTGGATGGAACCAAGGAATTGTAATGGGCAGTAG
CATTATAACCACCTATATGATCGAGTTTGCAGGAATAGCGCTAAGTTACCTCTTTCTCA
GTGTGTTCAATGTTGATATTGGTCGACTTAAAGATAGTTTGACCAAGATGAAGGTCAAA
AAACGCTTGATTCCAATGAATATTACTATGCTTCTATACTACCTTTTAATACAGGTATT
GTATGTTATAGAGAGTTATAATGTGATACCGACTTTAAAATTTTCGTAAATTTGTCTGTTA
TTGTCTATCTTATTTTATTTTGGATTCTGATCTCATTTTAAAGCCAATATACCAAACAA
AAGGTTCAAAATGAGATAATGGCACAAAAGGAAGCTCAGATTCGAAATATCACCCAGTA
TAGTCAGCAAATAGAATCTCTTTACAAGGATATTGGAAGTTTCCGCCATGATTATCTGA
ATATTTTAACTAGCCTCAGATTAGGCATTGAAAATAAGATTTAGCTAGTATTGAAAAG
ATTTACCATCAAATCTTAGAAAAACAGGACATCAATTGCAGGATACCCGTTATAATAT
CGGCCATCTAGCTAATATTCAAACGATGCTGTCAAGGGTATCTTGTGAGCAAAAATCT
TAGAAGCTCAGAAATAAAAGATTGCTGTCAATGTAGAAGTCTCAAGTAAAATACAACCTG
CCTGAGATGGAGTTGCTTGATTTCATTACCATACTTTCTATCTTGTGTGATAATGCCAT
TGAGGCTGCTTTCGAATCATTAAATCCTGAAATTCAGTTAGCCTTTTTTAAAGAAAAATG
GCAGTATAGTCTTTATCATTCAGAATTCCACCAAAGAAAAACAAATAGATGTGAGTAAA
ATTTTTAAAGAAAATATTCCACTAAAGGCTCCAATCGCGGTATTGGTTTAGCAAAGGT
GAATCATATTCTTGAACATTATCCCAAACAGTTTACAAACAAGCAATCATCATCATT
TATTCAGCAACTCCTAATAATAAAA] TAG

D.

[ATGATTTCTATTTTTGTATTGGAAGATGATTTTTTACAACAAGGACGTCTTGAAACCA
CCATTGCAGCTATCATGAAAGAAAAAATTTGGTCTTATAAAGAATTGACTATTTTTTGA
AAACCACAACACTTATTGACGCTATCCCTGAAAAGGGCAATCACCAGATTTTCTTTTT
GGATATTGAAATCAAAAAGAGGAAAAGAAAGGACTGGAAGTAGCCAATCAGATTAGAC
AGCATAATCCTAGTGCAGTTATTGTCTTTGTACGACACATTCTGAGTTTATGCCCTC
ACTTTTCAGTATCAGGTATCTGCTTTGGATTTTATTGATAAATCTTTGAATCCTGAGGA
GTTCTCCACCGCATTGAATCAGCGCTGTATTATGCTATGGAACAGCCAGAAGAATG
GTCAATCAGAGGAACCTTTTTATTTTCCATTTCATCTGAACTCAGTTTCAGGTCCCTTTT
GCTGAGATTCTGTATTTTGAACATCTTCAACAGCCATAAGCTCTGCCTTTATACTTA
TGATGAACGGATTGAATTCTACGGCAGTATGACTGACATTGTTAAAATGGATAAGAGAC

Figure 2 (cont'd)

TTTTTCAGTGCCATCGCTCTTTTATTGTCAATCCTGCCAATATTACCCGTATTGATCGG
AAAAAACGCTTGGCCTATTTTCGAAATAATAAGTCTTGTCTTATTTACGAACTAAGTT
AACAAAACCTGAGAGCTGTGATTGCTGATCAAAGGAGAGCAAAA] TGA

Figure 3

A.

MKKTLSLKNDKFKEIKTDELEIIIGGSGSLSTFFRLFNRSFTQALGK

B.

MNEALMILSNGLLTYLTVLFLFLFSKVSNTLSKKELTLFSISNFLIMIAVTMVNVNL
FYPAEPLYFIALSIYLNQRNSLSLNIFYGLLPVASSDLFRRAIIFILDGTQGIVMGSS
IITTYMIEFAGIALSYLFLSVFNVDIGRLKDSLTKMKVKKRLIPMNITMLLYYLLIQVL
YVIESYNVIPTLKFRKFVIVYLILFLILISFLSQYTKQKVQNEIMAQKEAQIRNITQY
SQQIESLYKDIRSFRHDYLNILTSRLGIENKDLASIEKIYHQILEKTGHQLQDTRYNI
GHLANIQNDAVKGILSAKILEAQNKKIAVNVEVSSKIQLPEMELLDFITILSILCDNAI
EAAFESLNPEIQLAFFKNGSIVFIIQNSTKEKQIDVSKIFKENYSTKGSNRGIGLAKV
NHILEHYPKTSLQTSNHHHLFKQLLIK

C.

MISIFVLEDDFLQQGRLETTIAAIMKEKNWSYKELTIFGKPQQLIDAIPEKGNHQIFFL
DIEIKKEEKKGLEVANQIRQHNPSAVIVFVTTHSEFMPLTFQYQVSALDFIDKSLNPEE
FSHRIESALYYAMENSQKNGQSEELFIFHSSETQFQVPFAEILYFETSSTAHLCLYTY
DERIEFYGSMTDIVKMDKRLFQCHRSFIVNPANITRIDRKKRLAYFRNNKSCLISRTKL
TKLRAVIADQRRAK

Figure 4

A.

```
BM71 CSP      1 MKKTPSLKNDKFKEIKTDELEIIIIGGSGSLSTFFRLFNRSFTQALGK 46
GB14 CSP      1 MKKTLCLKNDKFKEIKTDELEIIIIGGSGSLSTFFRLFNRSFTQALGK 46
H7 CSP        1 MKKTLCLKNDKFKEIKTDELEIIIIGGSGSLSTFFRLFNRSFTQALGK 46
JH1005 CSP    1 MKKTLCLKNDKFKEIKTDELEIIIIGGSGTLSTFFRLFNRSFTQA 43
LT11 CSP      1 MKKTLCLKNDKFKEIKTDELEIIIIGGSGSLSTFFRLFNRSFTQALGK 46
NG8 CSP       1 MKKTLCLKNDKFKEIKTDELEIIIIGGSGSLSTFFRLFNRSFTQALGK 46
UAB159 CSP    1 MKKTLCLKNDKFKEIKTDELEIIIIGGSGSLSTFFRLFNRSFTQALGK 46
**** *
```

B.

```
consensus: 1 MKKTLCLKNDKFKEIKTDELEIIIIGG SGSLSTFFRLFNRSFTQALGK 46
predicted cleavage site: ^
```

Figure 5

SGSLSTFFRLFNRSFTQALGK

Figure 6

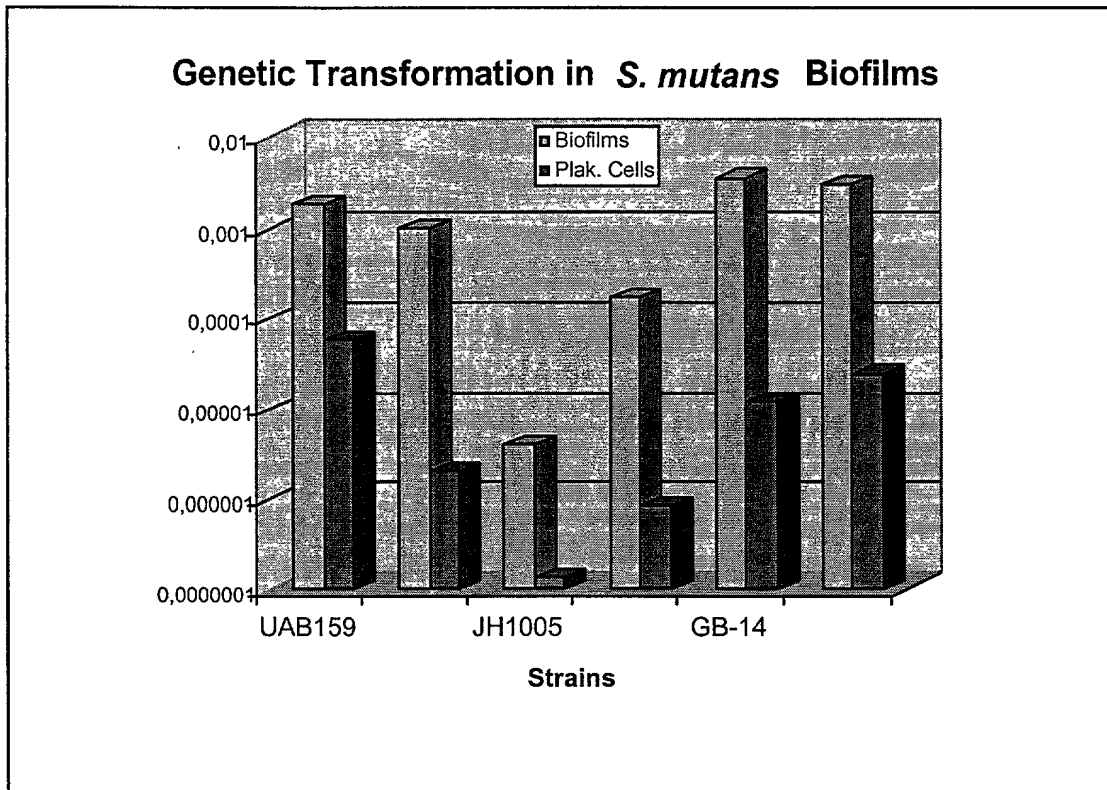


Figure 7

Strain	Peptide added Number of Transformants/Recipients	No peptide Number of Transformants/Recipients
UAB15	4.65×10^{-1}	1.78×10^{-6}
JH1005 ²	6.98×10^{-2}	0

¹The final concentration of SSCP used was 500 ng/ml.

The strain contains a nonsense mutation in the *comC* gene encoding the CSP.

Figure 8

ComC region

ComC Primer Pair: F5-B5

[F5] 23406-23424 5'- AGTTTTTTGTCTGGCTGCG -3'
19 nt forward primer
pct G+C: 47.4 Tm: 50.5

[B5] 24056-24037 5'- TCCACTAAAGGCTCCAATCG -3'
20 nt backward primer
pct G+C: 50.0 Tm: 51.9

651 nt product for F5-B5 pair (23406-24056)
Optimal annealing temp: 50.3
pct G+C: 30.9 Tm: 71.5

ComD region

ComD Primer Pair: F1-B1

[F1] 392-415 5'- CGCTAAGTTACCTCTTTCTCAGTG -3'
24 nt forward primer
pct G+C: 45.8 Tm: 51.6

[B1] 683-663 5'- GCTTCCTTTTGTGCCATTATC -3'
21 nt backward primer
pct G+C: 42.9 Tm: 50.8

292 nt product for F1-B1 pair (392-683)
Optimal annealing temp: 49.5
pct G+C: 30.8 Tm: 70.2

ComE region

ComE Primer Pair: F1-B1

[F1] 145-165 5'- CCTGAAAAGGGCAATCACCAG -3'
21 nt forward primer
pct G+C: 52.4 Tm: 55.9

[B1] 606-585 5'- GCGATGGCACTGAAAAAGTCTC -3'
22 nt backward primer
pct G+C: 50.0 Tm: 55.4

462 nt product for F1-B1 pair (145-606)
Optimal annealing temp: 53.6
pct G+C: 38.3 Tm: 74.1

Figure 9

Sequence Range: 1 to 2557

```

      10      20      30      40      50
ACATTATGTGTCTTAAGGAAAATATTACTTTTTCAAGAAAATCCATGATT
TGTAATACACAGGATTCCTTTTATAATGAAAAAGTTCTTTTAGGTACTAA
      <K K L F I W S K
      <_____

      60      70      80      90     100
TTTTCATAAAAAATAGTATACTAATTATAATCAAAAAAAGGAGATATAAA
AAAAGTATTTTTTATCATATGATTAATATTAGTTTTTTTCCTCTATATTT
<K M F F L I S I I I L F L L Y L
<_____

      110     120     130     140     150
ATGAAAAAACACTATCATTAAAAATGACTTTAAAGAAATTAAGACTGA
TACTTTTTTTGTGATAGTAATTTTTTACTGAAATTTCTTAAATTCTGACT
  M K K T L S L K N D F K E I K T D>
      ORF RF[2]
<I F F V S D N F F S K L S I L V S
<_____

      160     170     180     190     200
TGAATTAGAGATTATCATTGGCGGAAGCGGAAGCCTATCAACATTTTTCC
ACTTAATCTCTAATAGTAACCGCCTTCGCCTTCGGATAGTTGTAAAAAGG
  E L E I I I G G S G S L S T F F>
      ORF RF[2]
<S N S I I M
<_____

      210     220     230     240     250
GGCTGTTTAACAGAAGTTTTTACACAAGCTTTGGGAAAATAAGATAGGCTA
CCGACAAATGTCTTCAAAATGTGTTTCGAAACCCTTTATTCTATCCGAT
  R L F N R S F T Q A L G K>
      ORF RF[2]
      >

      260     270     280     290     300
ACATTGGAATAAAACAAGGCTGGATTTATTATTCCAGCCTTTTAAATGT
TGTAACCTTATTTTGTTCGGACCTAAATAATAAGGTCGAAAAATTTACA

      310     320     330     340     350
AAAATAAAAAATACAGGGTTAAATAATCAAGTGTGCTGTCGTGGATGAGAA
TTTTATTTTATGTCCCAATTTATTAGTTTCACACGACAGCACCTACTCTT

      360     370     380     390     400
GATAAACTATCTCTTAGAGAATAGGCCTCCTCTATTTTATTATTAGGAG
CTATTTTGATAGAGAATCTCTTATCCGAGGAGATAAAATAATAATCCTC
      <K I I L L
      <_____ ORF RF[_____

      410     420     430     440     450
TTGCTTGAATAAATGATGATGATTGCTTGTGTTGTAACTGGTTTTGGGAT
AACGAACTTATTTACTACTACTAACGAACAAACATTTGACCAAAACCTTA
<Q K F L H H H N S T Q L S T K P Y
```

Figure 9 (cont'd - 1)

```
< _____ ORF RF[4] C _____

      460      470      480      490      500
AATGTTCAAGAATATGATTACCTTTGCTAAACCAATACCGCGATTGGAG
TTACAAGTTCTTATACTAAGTGGAACGATTTGGTTATGGCGCTAACCTC
<H E L I H N V K A L G I G R N S
< _____ ORF RF[4] C _____

      510      520      530      540      550
CCTTTAGTGGAATAGTTTCTTTAAAAATTTTACTCACATCTATTTGTTT
GGAAATCACCTTATCAAAAGAAATTTTAAATGAGTGTAGATAAACAAA
<G K T S Y N E K F I K S V D I Q K
< _____ ORF RF[4] C _____

      560      570      580      590      600
TTCTTTGGTGAATTCTGAATGATAAAGACTATACTGCCATTTTCTTAA
AAGAAACCACCTTAAGACTTACTATTTCTGATATGACGGTAAAAAGAATT
<E K T S N Q I I F V I S G N K K F
< _____ ORF RF[4] C _____

      610      620      630      640      650
AAAAGGCTAACTGAATTTTCAAGATTTAATGATTGAAAGCAGCCTCAATG
TTTTCCGATTGACTTAAAGTCCTAAATTACTAAGCTTTCGTCGGAGTTAC
M>
< _____ ORF RF[4] C _____
<F A L Q I E P N L S E F A A E I
< _____ ORF RF[4] C _____

      660      670      680      690      700
GCATTATCACACAAGATAGAAAGTATGGTAATGAAATCAAGCAACTCCAT
CGTAATAGTGTGTTCTATCTTTCATACCATTACTTTAGTTCGTTGAGGTA
A L S H K I E S M V M K S S N S I>
_____ ORF RF[3] _____
<A N D C L I S L I T I F D L L E M
< _____ ORF RF[4] C _____

      710      720      730      740      750
CTCAGGCAGTTGTATTTTACTTGAGACTTCTACATTGACAGCAATCTTTT
GAGTCCGTCAACATAAAATGAACTCTGAAGATGTAAGTGTCTGTTAGAAAA
S G S C I L L E T S T L T A I F>
_____ ORF RF[3] _____
<E P L Q I K S S V E V N V A I K K
< _____ ORF RF[4] C _____

      760      770      780      790      800
TATTCTGAGCTTCTAAGATTTTGTGCTGACAAGATACCCTTGACAGCATCG
ATAAGACTCGAAGATTCTAAAAACGACTGTTCTATGGGAACTGTCGTAGC
L F>
>
<N Q A E L I K A S L I G K V A D
< _____ ORF RF[4] C _____

      810      820      830      840      850
TTTTGAATATTAGCTAGATGGCCGATATTATAACGGGTATCCTGCAATTG
AAAACCTATAATCGATCTACCGGCTATAATATTGCCCATAGGACGTTAAC
<N Q I N A L H G I N Y R T D Q L Q
< _____ ORF RF[4] C _____
```

Figure 9 (cont'd - 2)

```

      860      870      880      890      900
ATGTCCTGTTTTTCTAAGATTTGATGGTAAATCTTTTCAATACTAGCTA
TACAGGACAAAAAGATTCTAAACTACCATTTAGAAAAGTTATGATCGAT
<H G T K E L I Q H Y I K E I S A L
< _____ ORF RF[4] C _____

      910      920      930      940      950
AATCTTTATTTTCAATGCCTAATCTGAGGCTAGTTAAAATATTCAGATAA
TTAGAAATAAAAGTTACGGATTAGACTCCGATCAATTTTATAAGTCTATT
<D K N E I G L R L S T L I N L Y
< _____ ORF RF[4] C _____

      960      970      980      990     1000
TCATGGCGGAAACTTCGAATATCCTTGTAAGAGATTCTATTTGCTGACT
AGTACCGCCTTTGAAGCTTATAGGAACATTTCTCTAAGATAAACGACTGA
M A E T S N I L V K R F Y L L T>
>
<D H R F S R I D K Y L S E I Q Q S
< _____ ORF RF[4] C _____

     1010     1020     1030     1040     1050
ATACTGGGTGATATTTTGAATCTGAGCTTCCTTTGTGCCATTATCTCAT
TATGACCCACTATAAAGCTTAGACTCGAAGGAAAACACGGTAATAGAGTA
I L G D I S N L S F L L C H Y L I>
>
<Y Q T I N R I Q A E K Q A M I E N
< _____ ORF RF[4] C _____

     1060     1070     1080     1090     1100
TTTGAACCTTTTGTGTTGGTATATTGGCTTAAAAATGAGATCAGAATCAAA
AAACTTGGAAAACAAACCATATAACCGAATTTTACTCTAGTCTTAGTTT
L N L L F G I L A>
>
<Q V K Q K T Y Q S L F S I L I L
< _____ ORF RF[4] C _____

     1110     1120     1130     1140     1150
AATAAAATAAGATAGACAATAACGACAAATTTACGAAATTTTAAAGTCGG
TTATTTTATTCTATCTGTTATTGCTGTTTAAATGCTTTAAATTTTCAGCC
<F L I L Y V I V V F K R F K L T P
< _____ ORF RF[4] C _____

     1160     1170     1180     1190     1200
TATCACATTATAACTCTCTATAACATAACAATACCTGTATTAAAAGGTAGT
ATAGTGTAATATTGAGAGATATTGTATGTTATGGACATAATTTTCCATCA
<I V N Y S E I V Y L V Q I L L Y Y
< _____ ORF RF[4] C _____

     1210     1220     1230     1240     1250
ATAGAAGCATAGTAATATTCATTGGAATCAAGCGTTTTTTGACCTTCATC
TATCTTCGTATCATTATAAGTAACCTTAGTTTCGCAAAAACTGGAAGTAG
<L L M T I N M P I L R K K V K M
< _____ ORF RF[4] C _____

     1260     1270     1280     1290     1300
TTGGTCAAACCTATCTTTAAGTCGACCAATATCAACATTGAACACACTGAG
```

Figure 9 (cont'd - 3)

AACCAGTTTGATAGAAATTCAGCTGGTTATAGTTGTAACCTGTGTGACTC
<K T L S D K L R G I D V N F V S L
< _____ ORF RF[4] C _____

1310 1320 1330 1340 1350
AAAGAGGTAACCTTAGCGCTATTCTGCAAACTCGATCATATAGGTGGTTA
TTTCTCCATTGAATCGCGATAAGGACGTTTGAGCTAGTATATCCACCAAT
<F L Y S L A I G A F E I M Y T T I
< _____ ORF RF[4] C _____

1360 1370 1380 1390 1400
TAATGCTACTGCCCATTACAATTCCTTGAGTTCCATCCAAGATAAAGAAT
ATTACGATGACGGGTAATGTTAAGGAACCAAGGTAGGTTCTATTCTTTA
<I S S G M V I G Q T G D L I F F
< _____ ORF RF[4] C _____
<L E K L E M W S L S Y
< _____

1410 1420 1430 1440 1450
ATGATTGCCCCGCTAAACAAGTCAGAACTGGCAACAGGCAGCAGACCATA
TACTAACGGGCGGATTTGTTTCAGTCTTGACCGTTGTCCGTCGTCTGGTAT
<I I A R R F L D S S A V P L L G Y
< _____ ORF RF[4] C _____
<S Q G G L C T L V P L L C C V M
< _____

1460 1470 1480 1490 1500
AAATATATTTAGAGAAAGACTATTCTGTCTATTAAGATAAATTGATAAAG
TTTATATAAATCTCTTTCTGATAAGACAGATAATTCTATTTAACTATTTTC
<F I N L S L S N Q R N L Y I S L A
< _____ ORF RF[4] C _____

1510 1520 1530 1540 1550
CTATAAAATAAAGAGGCTCTGCAGGATAAAACAGGTTTACGTTCCACCATC
GATATTTTATTTCTCCGAGACGTCCTATTTTGTCCAAATGCAAGTGGTAG
<I F Y L P E A P Y F L N V N V M
< _____ ORF RF[4] C _____

1560 1570 1580 1590 1600
GTAACAGCAATCATTATCAGAAAATTGCTTATCGAAAAAAGAGTTAATTC
CATTGTCGTTAGTAATAGTCTTTTAACGAATAGCTTTTTTCTCAATTAAG
<T V A I M I L F N S I S F L T L E
< _____ ORF RF[4] C _____

1610 1620 1630 1640 1650
CTTTTTTCGATAAAGTGACATTACTTACCTTAGAAAATAGAAACAAGAGAA
GAAAAAGCTATTTCACTGTAATGAATGGAATCTTTTATCTTTGTTCTCTT
<K K S L T V N S V K S F L F L L F
< _____ ORF RF[4] C _____

1660 1670 1680 1690 1700
ATAGAACGGTTAGATAAGTTAATAAACCATTTGAAAGTATCATTAAGGCT
TATCTTGCCAATCTATTCAATTATTTGGTAACTTTTCATAGTAATCCGA
<L V T L Y T L L G N S L I M L A
< _____ ORF RF[4] C _____

1710 1720 1730 1740 1750

ORF RF[6] C

Figure 9 (cont'd - 5)

2060 2070 2080 2090 2100
TTCTGGCTGTTTTCCATAGCATAATACAGCGCTGATTCAATGCGGTGGGA
AAGACCGACAAAAGGTATCGTATTATGTCGCGACTAAGTTACGCCACCCT
<K Q S N E M A Y Y L A S E I R H S
< _____ ORF RF[5] C _____
<R A T K W L M
< _____ ORF RF[6] C _____

2110 2120 2130 2140 2150
GAACTCCTCAGGATTCAAAGATTTATCAATAAAATCCAAAGCAGATACCT
CTTGAGGAGTCCTAAGTTTCTAAATAGTTATTTTAGGTTTCGTCTATGGA
<F E E P N L S K D I F D L A S V Q
< _____ ORF RF[5] C _____

2160 2170 2180 2190 2200
GATACTGAAAAGTGAGGGGCATAAACTCAGAATGTGTCGTGACAAAGACA
CTATGACTTTTCACTCCCCGTATTTGAGTCTTACACAGCACTGTTTCTGT
M C R D K D>
<Y Q F T L P M F E S H T T V F V
< _____ ORF RF[5] C _____

2210 2220 2230 2240 2250
ATAACTGCACTAGGATTATGCTGTCTAATCTGATTGGCTACTTCCAGTCC
TATTGACGTGATCCTAATACGACAGATTAGACTAACCGATGAAGGTCAGG
N N C T R I M L S N L I G Y F Q S>
<I V A S P N H Q R I Q N A V E L G
< _____ ORF RF[5] C _____

2260 2270 2280 2290 2300
TTTCTTTTCTCTTTTTTGATTTCATATCCAAAAAGAAAATCTGGTGAT
AAAGAAAAGGAGAAAAAACTAAAGTTATAGGTTTTTCTTTTAGACCACTA
F L F L F F D F N I Q K E N L V I>
<K K E E K K I E I D L F F I Q H N
< _____ ORF RF[5] C _____

2310 2320 2330 2340 2350
TGCCCTTTTTCAGGGATAGCGTCAATAAGTTGTTGTGGTTTTTCCAAAATA
ACGGGAAAAGTCCCTATCGCAGTTATTCAACAACACCAAAAGGTTTTTAT
A L F R D S V N K L L W F S K N>
<G K E P I A D I L Q Q P K G F I
< _____ ORF RF[5] C _____

2360 2370 2380 2390 2400
GTCAATTCTTTATAAGACCAATTTTTTCTTTTCATGATAGCTGCAATGGT
CAGTTAAGAAATATTCTGGTTAAAAAAGAAAGTACTATCGACGTTACCA
S Q F F I R P I F F F H D S C N G>
M I A A M V>
<T L E K Y S W N K E K M I A A I T
< _____ ORF RF[5] C _____

2410 2420 2430 2440 2450

Figure 9 (cont'd - 6)

GGTTTCAAGACGTCCTTGTTGTAAAAAATCATCTTCCAATACAAAAATAG
CCAAAGTTCTGCAGGAACAACATTTTTTTAGTAGAAGGTTATGTTTTATC
G F K T S L L>

V S R R P C C K K S S S N T K I>

<T E L R G Q Q L F D D E L V F I S
< _____ORF RF[5] C _____>

2460 2470 2480 2490 2500
AAATCATTATTTCTCCTTTAATCTTCTATTTAGGTTAGCTGATTAACACT
TTTAGTAATAAAGAGGAAATTAGAAGATAAATCCAATCGACTAATTGTGA
E I I I S P L I F Y L G>

<I M
< _____>

2510 2520 2530 2540 2550
ATACACAGAAAAGGTATAAAACGATATCACTCAATAAAATCTACTAACTT
TATGTGTCCTTTCCATATTTTGCTATAGTGAGTTATTTTAGATGATTGAA

AATAACC
TTATTGG

Figure 10

A.

ATGGAAGAAGATTTTGAAATTGTTTTTAATAAGGTTAAGCCAATTGTATGGAAATTAAG
CCGTTATTACTTTATTAAAAATGTGGACTCGTGAAGATTGGCAACAAGAGGGAATGTTGA
TTTTGCACCAATTATTAAGGGAACATCCAGAATTAGAAGAGGATGATACAAAATTGTAT
ATCTATTTTAAGACACGTTTTTCTAATTACATTAAAGATGTTTTGCGTCAGCAAGAAAG
TCAGAAACGTCGTTTTTAATAGAATGTCCTTATGAAGAAGTCGGTGAGATTGAACACTGTT
TGTCAAGTGGCGGTATGCAATTGGATGAATATATTTTATTTTCGTGATAGTTTGCTTGCA
TATAACAAGGTCTGAGTACTGAAAAGCAAGAGCTGTTTGAGCGCTTGGTAGCAGGAGA
GCACTTTTTTGGGAAGGCAAAGTATGCTGAAAGATTTACGTAAAAAATTAAGTGATTTTA
AGGAAAAA

B.

MEEDFEIVFNKVKPIVWKLSTRYYFIKMWTREDWQQEGLILHQLLREHPELEEDDTKLY
IYFKTRFSNYIKDVLRRQESQKRRFNRMSYEEVGEIEHCLSSGGMQLDEYILFRDSL
LA YKQGLSTEKQELFERLVAGEHFLGRQSMLKDLRKKLSDFKEK

C.

GTAAATAAAACAGCCAGTTAAGATGGGACATTTATGTCCTGTTCTTAAAGTCTTTTTTCG
TTTTATAATAATTTTATTATAAAAGGAGGTCATCGTAATAGATGGAAGAAGATTTTGAA
ATTGTTTTTAATAAGGTTAAGCCAATTGTATGGAAATTAAGCCGTTATTACTTTATTAA
AATGTGGACTCGTGAAGATTGGCAACAAGAGGGAATGTTGATTTTGCACCAATTATTAA
GGGAACATCCAGAATTAGAAGAGGATGATACAAAATTGTATATCTATTTTAAGACACGT
TTTTCTAATTACATTAAAGATGTTTTGCGTCAGCAAGAAAGTCAGAAACGTCGTTTTTAA
TAGAATGTCTTATGAAGAAGTCGGTGAGATTGAACACTGTTTGTCAAGTGGCGGTATGC
AATTGGATGAATATATTTTATTTTCGTGATAGTTTGCTTGCAATATAAACAAGGTCTGAGT
ACTGAAAAGCAAGAGCTGTTTGAGCGCTTGGTAGCAGGAGAGCACTTTTTTGGGAAGGCA
AAGTATGCTGAAAGATTTACGTAAAAAATTAAGTGATTTTAAGGAAAAATAGTTAAAAA
GGGAAAGAATGGAACATGTGATTGTACCATTCTTTTTTGTTGAAAATTAAGAAAAGTTA
TTATAAATTATTGGTTTAACATGCCATATTA

Figure 11

A.

ATGAAACAAGTTATTTATGTTGTTTTAATCGTCATAGCCGTTAACATTCTCTTAGAGAT
TATCAAAAAGAGTAACAAAAAGGGGAGGGACAGTTTTCGTCATCTAATCCTTTACCAGATG
GGCAGTCTAAGTTGTTTTGGCGCAGACATTATAAGCTAGTACCTCAGATTGATACCAGA
GACTGTGGGCCCGGCAGTGCTGGCATCTGTTGCAAAGCATTACGGATCTAATTACTCTAT
CGCTTATCTGCGGAACTCTCAAAGACTAACAAGCAGGGAACAACAGCTCTTGGCATTG
TTGAAGCTGCTAAAAAGTTAGGCTTTGAAACACGCTCTATCAAGGCGGATATGACGCTT
TTTGATTATAATGATTTGACCTATCCTTTTATCGTCCATGTGATTAAAGGAAAACGTCT
GCAGCATTATTATGTGCTCTATGGCAGCCAGAATAATCAGCTGATTATTGGAGATCCTG
ATCCTTCAGTTAAGGTGACTAGGATGAGTAAGGAACGCTTTCAATCAGAGTGGACAGGC
CTTGCAATTTTCTAGCTCCTCAGCCTAACTATAAGCCTCATAAAGGTGAAAAAATGG
TTTGTCTAATTTCTTCCCGTTGATCTTTAAGCAGAAAGCTTTGATGACTTATATTATCA
TAGCTAGCTTGATTGTGACGCTCATTGATATTGTGCGATCATACTATCTCCAAGGAATA
TTGGACGAGTACATTCTGATCAGCTGATTTCACTTTAGGAATGATTACGATTGGTCT
GATAATAACCTATATTATCCAGCAGGTATGGCTTTTGCAAAGAATACCTCTTGGCCG
TACTCAGTTTGCCTTTAGTCATTGATGTTATCCTGTCTTATATCAAACATATTTTACG
CTTCCTATGTCTTTCTTTGCGACAAGGCGAACAGGAGAAATCACGTCTCGTTTACAGA
TGCCAATCAGATTATTGATGCTGTAGCGTCAACCATCTTTTCAATCTTTTATAGATATGA
CTATGGTAATTTTGTTGGTGGGGTTTTGTTGGCGCAAACAATAACCTTTTCTTTCTA
ACCTTGCTCTCCATTCCGATTTATGCCATCATTATTTTTGCTTTCTTGAAACCTTTGA
GAAAATGAATCACGAAGTGATGGAAAGCAATGCTGTGGTAAGTTCTTCTATCATTGAAG
ATATCAATGGGATGGAAACCATTAAATCACTCACAAAGTGAGTCCGCTCGTTATCAAAC
ATTGATAGTGAATTTGTTGATTATTTGGAGAAAACTTTAAGCTACACAAGTATAGTGC
CATTCAAACCGCATTAATAAGCGGTGCTAAGCTTATCCTCAATGTTGTCATTCTCTGGT
ATGGCTCTCGTCTAGTTATGGATAATAAAATCTCAGTTGGTCAGCTTATCACCTTTAAT
GCTTTGCTGTCTTATTTCTCAAATCCAATTGAAAATATTATCAATCTGCAATCCAACT
GCAGTCAGCTCGCGTTGCCAATACACGTCTTAATGAGGTCTATCTTGTGCAATCTGAAT
TTGAAAAAGACGGCGATTTATCAGAAAATAGCTTTTATAGATGGTGATATTTTCGTTTGAA
AATCTTTCTTATAAATATGGATTTGGGCGAGATACCTTATCAGATATTAATTTATCAAT
CAAAAAAGGCTCCAAGGTCAGTCTAGTTGGAGCCAGTGGTTCTGGTAAAACAACCTTTGG
CTAAACTGATTGTCAATTTCTACGAGCCTAACAAGGGGATTGTTTGAATCAATGGCAAT
GATTTAAAAGTTATTGATAAGACAGCTTTGCGGCGGCATATTAGCTATTTGCCGCAACA
GGCCTATGTTTTTAGTGGCTCTATTATGGATAATCTCGTTTTAGGAGCTAAAGAAGGAA
CGAGTCAGGAAGACATTATTCGTGCTTGTGAAATTGCTGAAATCCGCTCGGACATTGAA
CAAATGCCTCAGGGCTATCAGACAGAGTTATCAGATGGTGCCGGTATTTCTGGCGGTCA
AAAACAGCGGATTGCTTTAGCTAGGGCTTATTAACACAGGCACCGGTTTTGATTCTGG
ATGAAGCCACCAGCAGTCTTGATATTTTGACAGAAAAGAAAATTATCAGCAATCTCTTA
CAGATGACGGAGAAAACAATAATTTTTGTTGCCACCGCTTAAGCATTTACAGCGGTAC
TGACGAAGTCATTGTGATGGATCAGGGAAAAATTGTTGAACAAGGCACTCATAAGGAAC
TTTTAGCTAAGCAAGGTTTCTATTATAACCTGTTTAAT

Figure 11 (cont'd)

B.

MKQVIYVVLIVIAVNILLEIIKRVTKRGGTVSSSNPLPDGQSKLFWRRHYKLVPQIDTR
DCGPAVLASVAKHYGSNYSIAYLRELSKTNKQGTALGIVEAAKKLGFETRISKADMTL
FDYNDLTYPFIVHVIKGRKLQHYVVVYGSQNNQLIIGDPDPSVKVTRMSKERFQSEWTG
LAIFLAPQPNYKPHKGEKNGLSNFFPLIFKQKALMTYIIIIASLIVTLIDIVGSYYLQGI
LDEYIPDQLISTLGMITIGLIITYIIQQVMAFAKEYLLAVLSLRLVIDVILSYIKHIFT
LPMSFFATRRTGEITSRFTDANQIIDAVASTIFSIFLDMTMVILVGGVLLAQNNNLFFL
TLLSIPIYAIIIIFAFCLKPFEKMNHEVMESNAVVSIIIEDINGMETIKSLTSESARYQN
IDSEFVDYLEKNFKLHKYSAIQTALKSGAKLILNVVILWYGSRLVMDNKISVGQLITFN
ALLSYFSNPIENIINLQSKLQSARVANTRLNEVYLVESEFEKDGDLSENSFLDGDISFE
NLSYKYGFRDRTLSDINLSIKKGSKVS LVGASGSGKTTLAKLIVNFYEPNKGIVRINGN
DLKVIDKTALRRHISYLPQQAYVFSGSIMDNLVLGAKEGTSQEDIIRACEIAEIRSDIE
QMPQGYQTELS DGAGISGGQKQRIALARALLTQAPVLILDEATSSLDILTEKKIISNLL
QMTEKTIIFVAHRLSISQRTDEVIVMDQGKIVEQGTHKELLAKQGFFYNLFN

C.

ATGGATCCTAAATTTTTACAAAGTGCAGAATTTTATAGGAGACGCTATCATAATTTTGC
GACACTATTAATTGTTCTTTGGTCTGCTTGATTATCTTCTTGGTCATATTCCTTTGTT
TTGCTAAAAAAGAAATTACAGTGATTTCTACTGGTGAAGTTGCACCAACAAAGGTTGTA
GATGTTATCCAATCTTACAGTGACAGTTCAATCATTAATAAATAATTTAGATAATAATGC
AGCTGTTGAGAAGGGAGACGTTTTAATTGAATATTCAGAAAATGCCAGTCCAAACCGTC
AGACTGAACAAAAGAATATTATAAAAGAAAGACAAAACGAGAAGAGAAGGAAAAGAAA
AAACACCAAAAGAGCAAGAAAAAGAAAGTCTAAGAGCAAGAAAGCTTCCAAAGATAA
GAAAAAGAAATCGAAAGACAAGGAAAGCAGCTCTGACGATGAAAATGAGACAAAAAAGG
TTTCGATTTTTTGCTTCAGAAGATGGTATTATTCATACCAATCCCAAATATGATGGTGCC
AATATTATTCCGAAGCAAACCGAGATTGCTCAAATCTATCCTGATATTCAAAAAACAAG
AAAAGTGTTAATCACCTATTATGCTTCTTCTGATGATGTTGTTTCTATGAAAAAGGGGC
AAACCGCTCGTCTTTCCTTGAAAAAAGGGAAATGACAAGGTTGTTATTGAAGGAAAA
ATTAACAATGTCGCTTCATCAGCAACTACTACTAAAAAAGGAAATCTCTTTAAGGTTAC
TGCCAAAGTAAAGGTTTCTAAGAAAAATAGCAAACTCATCAAGTATGGTATGACAGGCA
AGACAGTCACTGTCTATGATAAAAGACTTATTTTGATTATTTCAAAGATAAATTACTG
CATAAAATGGATAAT

D.

MDPKFLQSAEFYRRRYHNFATLLIVPLVCLIIIFLVIFLCFAKKEITVISTGEVAPTKVV
DVIQSYSDSSIIKNNLDNNAAVEKGDVLI EYSENASPNRQTEQKNI IKERQKREEKEKK
KHQKSKKKKSKSKKASKDKKKKSKDKESSDDENETKKVSI FASEDGI IHTNPKYDGA
NIIPKQTEIAQIYPDIQKTRKVLITYYASSDDVSMKKGQTARLSLEKKGNDKVVIEGK
INNVAASSATTTKKGNLFKVTAKVKVSKNSKLIKYGMTGKTVTVIDKKTYFDYFKDKLL
HKMDN

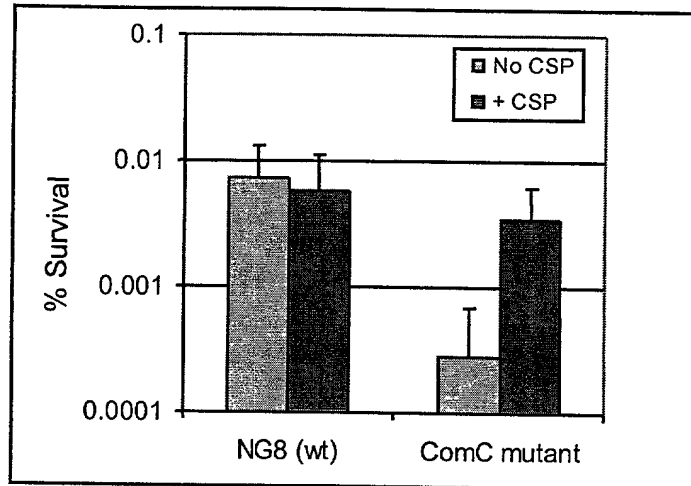


Figure 12